

Bölüm 2:

# Yaşam Ağacı: Sınıflandırma ve Filogeni

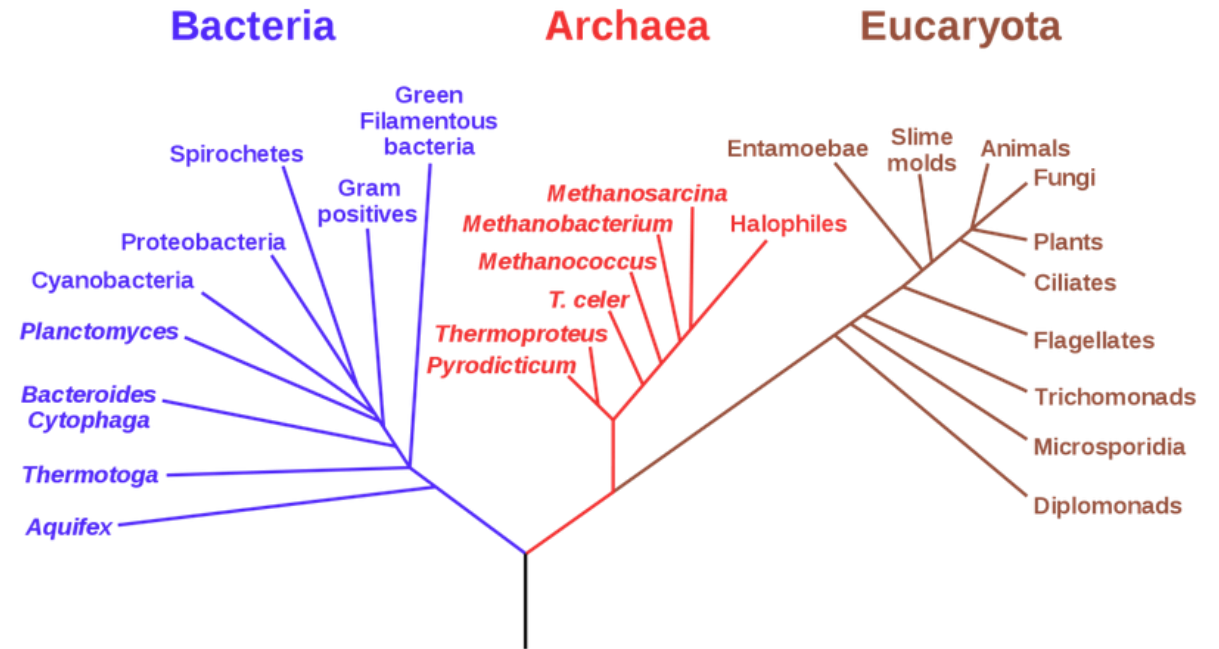
Prof. Dr. Bektaş TEPE

(Kaynak: Evrim - Douglas J. Futuyama)

# 'Yaşam Ağacı' anlayışı

- ❖ Yaklaşık 2000 milyon yıl önce, bazı **bakteriler**, bir **diğer canlının hücresi içinde** yaşamaya başladı.
- ❖ Anlaşıldığına göre bu ortaklık, **ortaklar arasındaki biyokimyasal yardımlaşma** nedeniyle gelişti.
- ❖ Bu ortaklıkta "**konuk**" hücre **mitokondriye evrimleşirken**, "**konak**", bugünkü **çekirdeği, kromozomları** ve **iğ iplikçiklerini** geliştirdi.

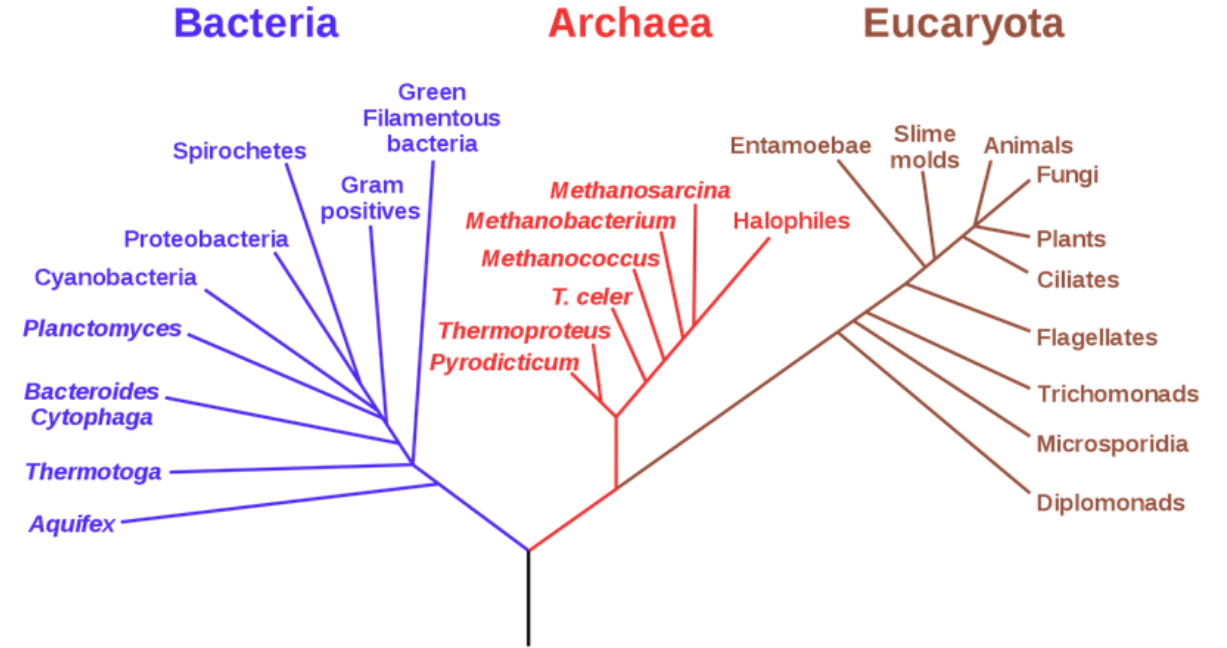
## Phylogenetic Tree of Life



# 'Yaşam Ağacı' anlayışı

- ❖ Bu atasal **ökaryot**, çeşitli **tek hücreli canlılara** evrimleşti.
- ❖ Bu soylardan **bazıları**, daha sonra, **mitoz bölünmeyle** doku ve organları oluşturabilmek için **çok hücreli** oldular.
- ❖ Bu soy hatlarından biri **yeşil bitkilerin**, diğeri ise **mantar** ve **hayvanların** atası oldu.

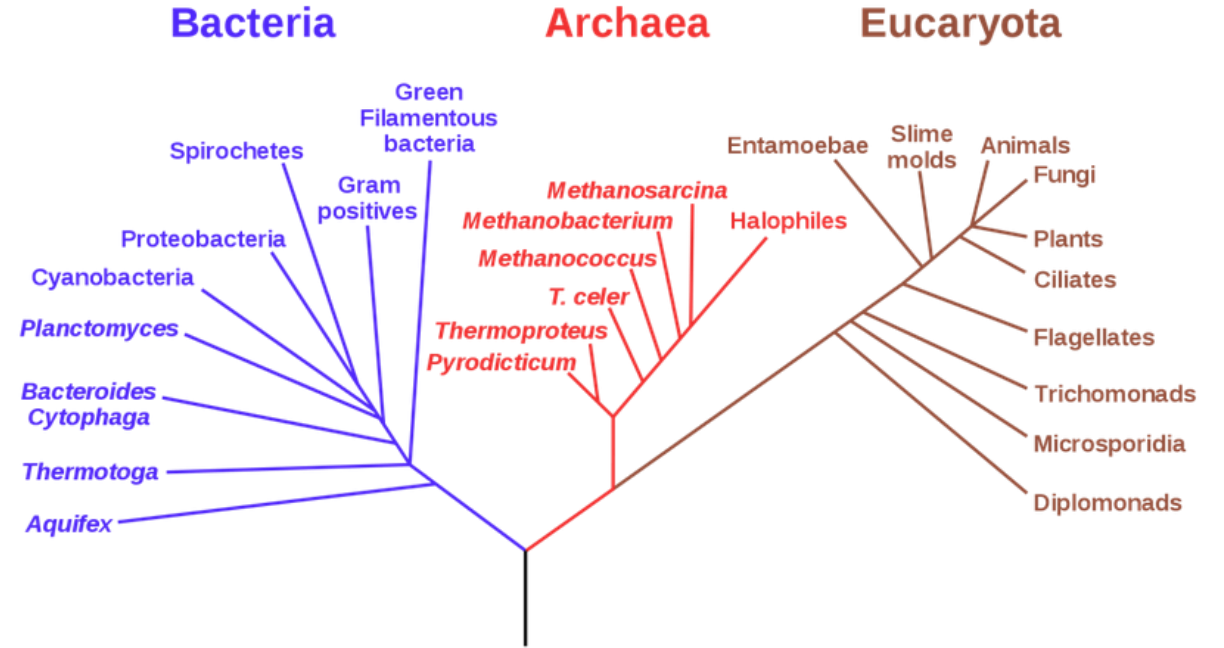
## Phylogenetic Tree of Life



# 'Yaşam Ağacı' anlayışı

- ❖ Yaklaşık 1000 milyon ile 600 milyon yıl arasında, **tek bir hayvan türü**, şaşılacak derecede farklı **iki hayvan grubunun atası** olan iki türe evrimleşti.
- ❖ Bu iki türden biri **deniz yıldızları, deniz kestaneleri** ve **diğer derisidikenlilere**, diğeri ise omurgalıları da içeren **kordalılara** evrimleşti.

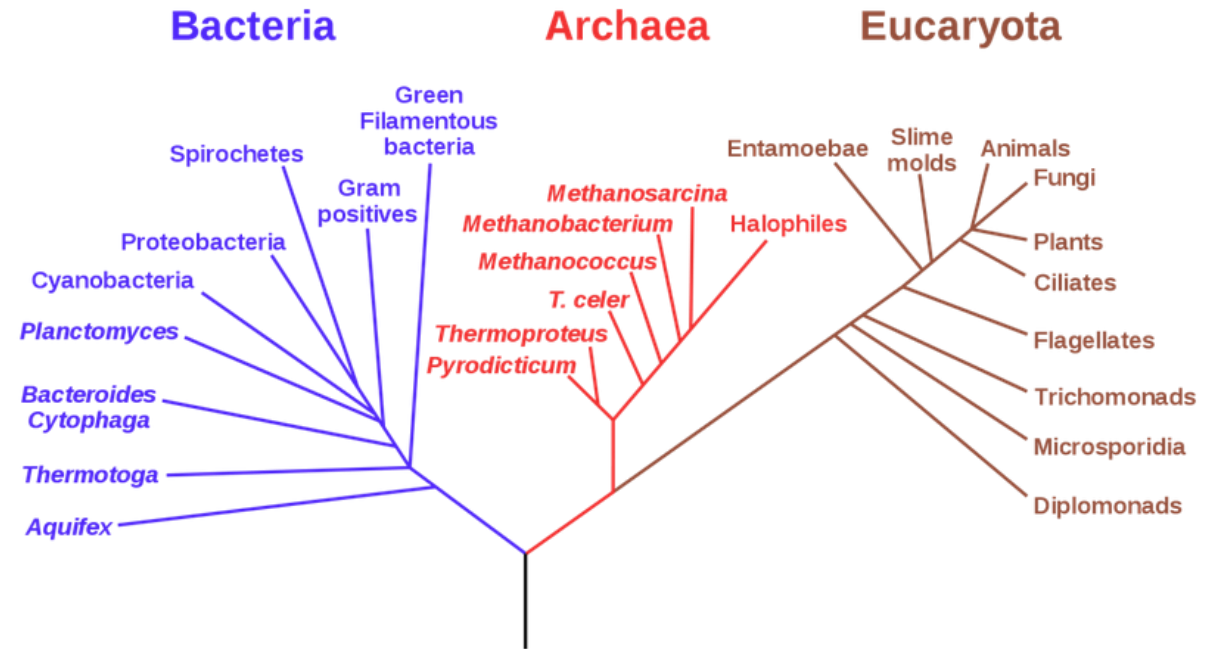
## Phylogenetic Tree of Life



# 'Yaşam Ağacı' anlayışı

- ❖ **Erken omurgalılardan** türeyen türlerin çoğu **balıktı**, bu balıklardan biri **tetrapodayı** (dört-bacaklı omurgalılar) oluşturacaktı.
- ❖ **İlk karasal dört-bacaklı evrimleştikten yaklaşık 150 milyon yıl sonra** ondan türeyen bazı türler **memeli** olmanın eşiğindedi.

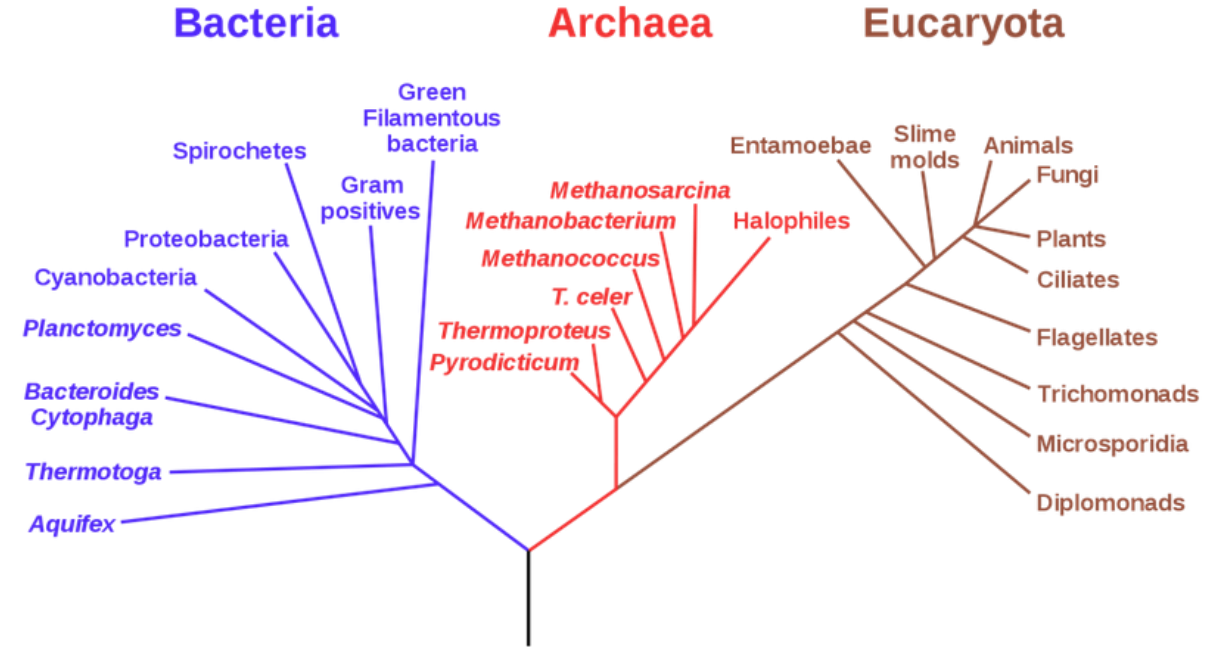
## Phylogenetic Tree of Life



# 'Yaşam Ağacı' anlayışı

- ❖ Yaklaşık 125 milyon yıl daha sonra da **memeliler** ağaçlarda yaşamaya uyum sağlamış **primatlar** dahil olmak üzere çok **çeşitli guruplara ayrılmıştı**.
- ❖ Bazı primatlar **küçüldü**, bazılarında **sarılcı kuyruklar evrimleşti** ve bir tanesi **büyük kuyuksuz insansuların atası** oldu.
- ❖ Yaklaşık 14 milyon yıl önce, böyle bir **insansı**, bir yanda **Asya orangutanına** diğer yanda ise **Afrika soyuna evrimleşti**.

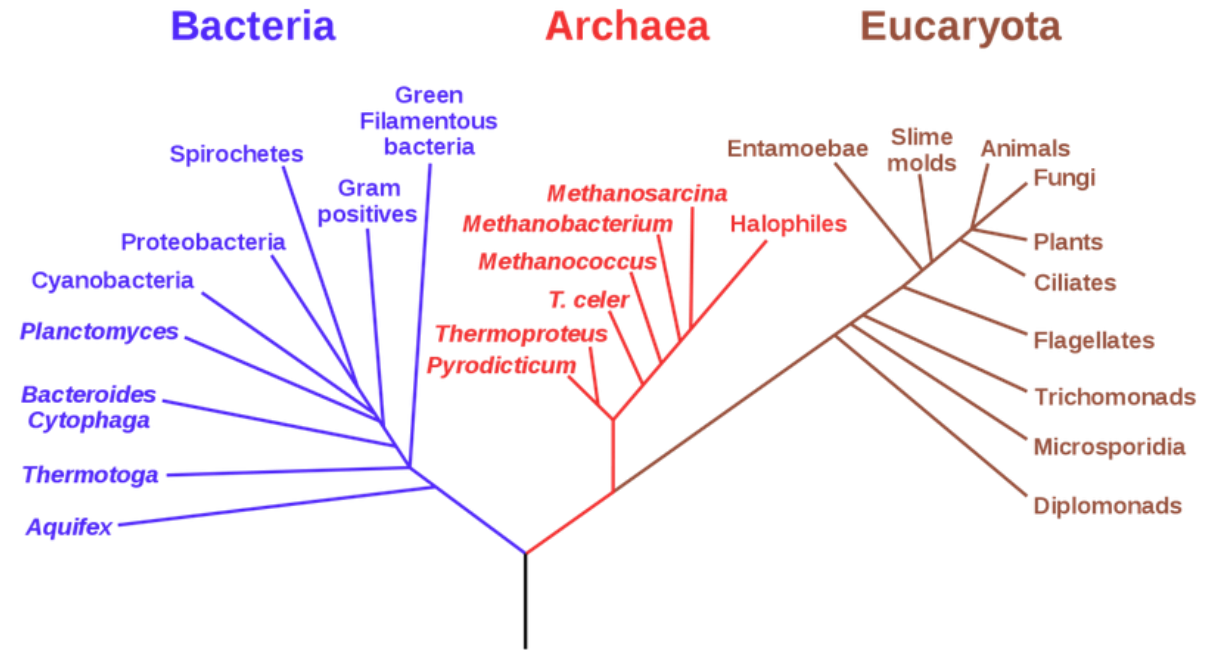
## Phylogenetic Tree of Life



# 'Yaşam Ağacı' anlayışı

- ❖ **Afrika soyu** ilki goril olmak üzere **iki türe** dönüştü.
- ❖ Yaklaşık 6 ile 8 milyon yıl önce, **ikinci tür**, bu kez, **iki soy hattına ayrıldı**.
- ❖ Bu soy hatlarından biri **günümüz şempanzelerini**, diğeri ise vücudunun duruşunda, ayaklarında ve beyininde hızlı bir evrim geçirmiş olan oldukça yakın **atamızı oluşturdu**.

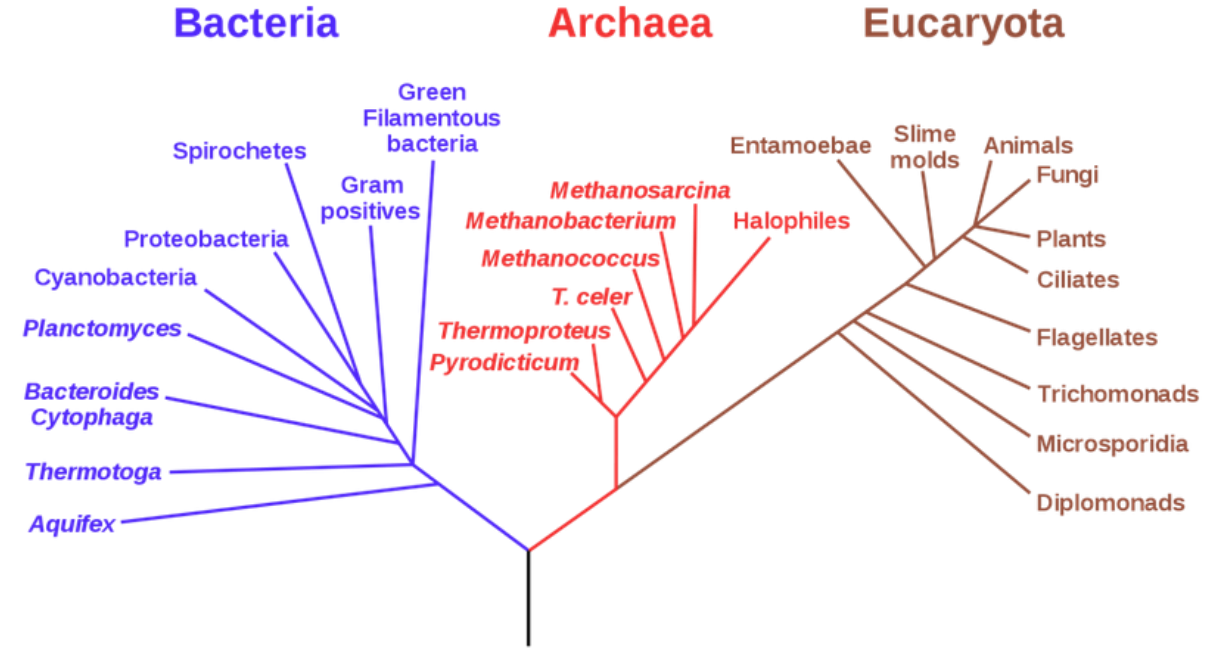
## Phylogenetic Tree of Life



# 'Yaşam Ağacı' anlayışı

- ❖ Zaman geçtikçe bir türün **dallanarak**, bazı özellikleri açısından farklı **evrim geçirerek, iki tür oluşturması** olasıdır.
- ❖ Bu türler de **çatallanarak yeni dallar** oluşturur ve bunların soyları da **daha fazla değişebilir**.
- ❖ Milyonlarca yıl süregelen bu **sayısız çatallanma** ve **değişme** süreciyle, bir **ağacın tek kökünden** ya da **gövdesinden milyonlarca canlı türü** evrimleşmiştir.

## Phylogenetic Tree of Life





# Canlılar arasındaki bağlantıyı bulma stratejisi Tümden gelim!

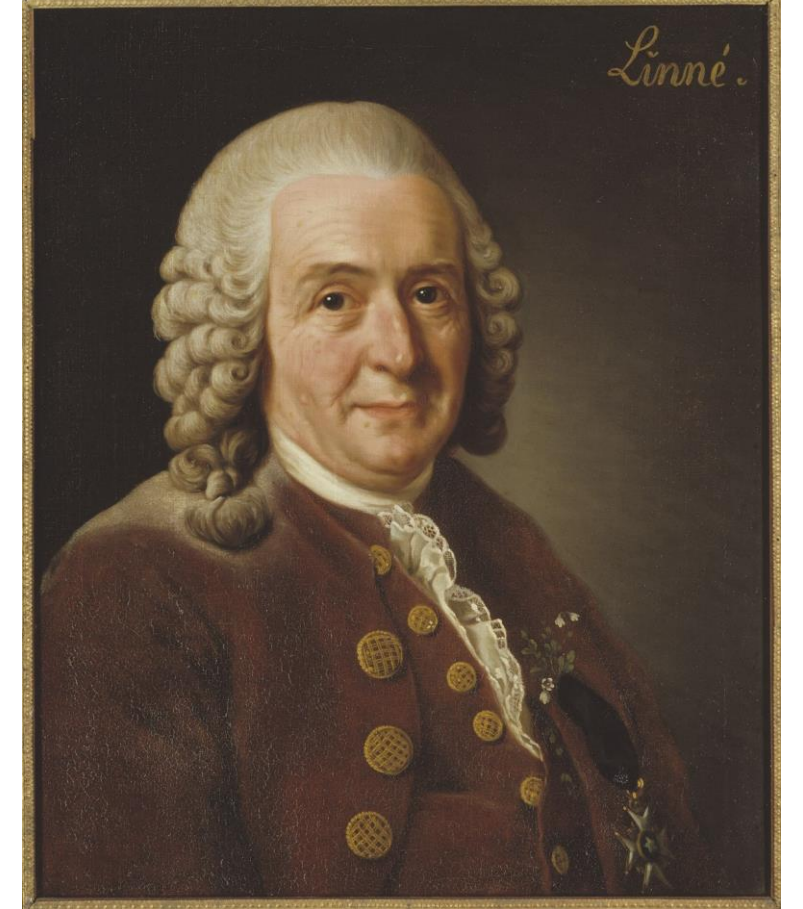
- ❖ Evrimsel biyologlar canlılar arasındaki **filogenetik** ilişkileri belirleyebilmek için **çeşitli yöntemler** geliştirdiler.
- ❖ Bu yöntemlerin sonucu olarak ilişkilerin **ortaya çıkan resmi sadece büyüleyici değil**, aynı zamanda belirli özelliklerin **hangi yolları izleyerek evrimleştiği** gibi, **evrimsel geçmişin bir çok yanını anlamak** için önemli bir temeldir.
- ❖ **Evrimsel geçmişi doğrudan gözleyemeyiz**, öyleyse onu, Sherlock Holmes'in bir suçun tarihini yeniden kurmasında olduğu gibi, **tümdengelim mantığını kullanarak** çıkarmalıyız.



# Sınıflandırma

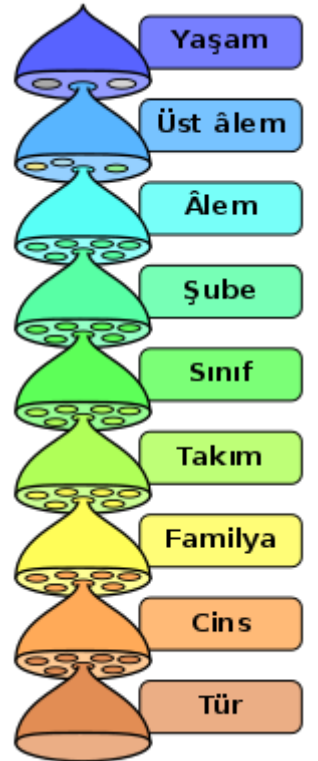
# İkili isimlendirme

- ❖ İsveç'li botanikçi Carolus Linneus, **cins isminden** ve **özel bir sıfattan** (*Homo sapiens* gibi) oluşan iki adlı bir sistemi **İKİLİ ADLANDIRMA**'yı (**BINOMIAL NOMENCLATURE**) önerdi.
- ❖ Türleri, **kümelerin daha büyük kümelerin içinde olduğu** (cinslerin familyaların içinde olduğu gibi) **DERECELİ SINIFLANDIRMA** (HIERARCHICAL CLASSIFICATION) yoluyla gruplandırmanın bir **yöntemini ileri sürdü**



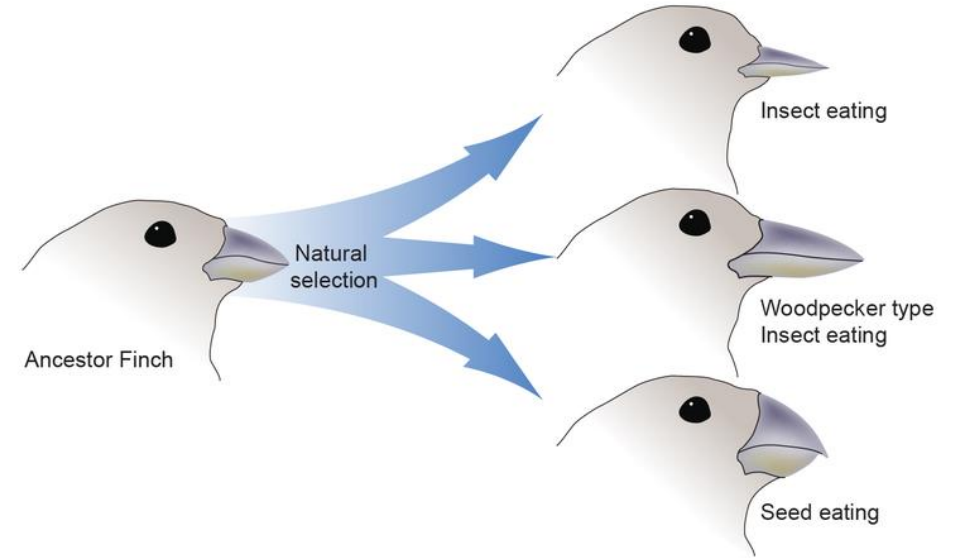
# İkili isimlendirmede taksonomik kategoriler

- ❖ Alem, filum, sınıf, takım, cins ve tür gibi sınıflandırma düzeylerine **taksonomik kategoriler** denir.
- ❖ Böylece **Rhesus maymunu** Primatlar takımı içindeki Cercopithecidae familyasının, **Macaca cinsine** konulur.
- ❖ Linneus, türleri yerleştirirken, **Tanrı'nın yaratıcı tasarımındaki yakınlığı** (akrabalığı) yansıttığını düşündüğü özellikleri kullandı.
- ❖ Örneğin, **Primat** takımım "**dört paralel üst ön diş** (kesici dişler); **göğüs üzerindeki iki meme başı**" özellikleri ile tanımladı.



# Alaycı kuşlar

- ❖ Sınıflandırma, **Türlerin Kökeni** 1859 yılında yayımlandıktan sonra tümüyle **ayrı bir anlam kazandı**.
- ❖ Darwin farklı adaların **benzer**, bununla birlikte **birbirinden ayrılabilen alaycı kuşlar** barındırdığını gözlemiştir.
- ❖ **Farklı alaycı kuş formlarının**, oluşma sürecinde, **küçük farklılıklar kazanarak tek bir atadan** türediğinden kuşkulandı.
- ❖ Bu düşünce mantıksal olarak genişletilince, **atanın kendisinin de uzak geçmişteki bir atadan** değişerek ortaya çıktığını aklı getirdi.

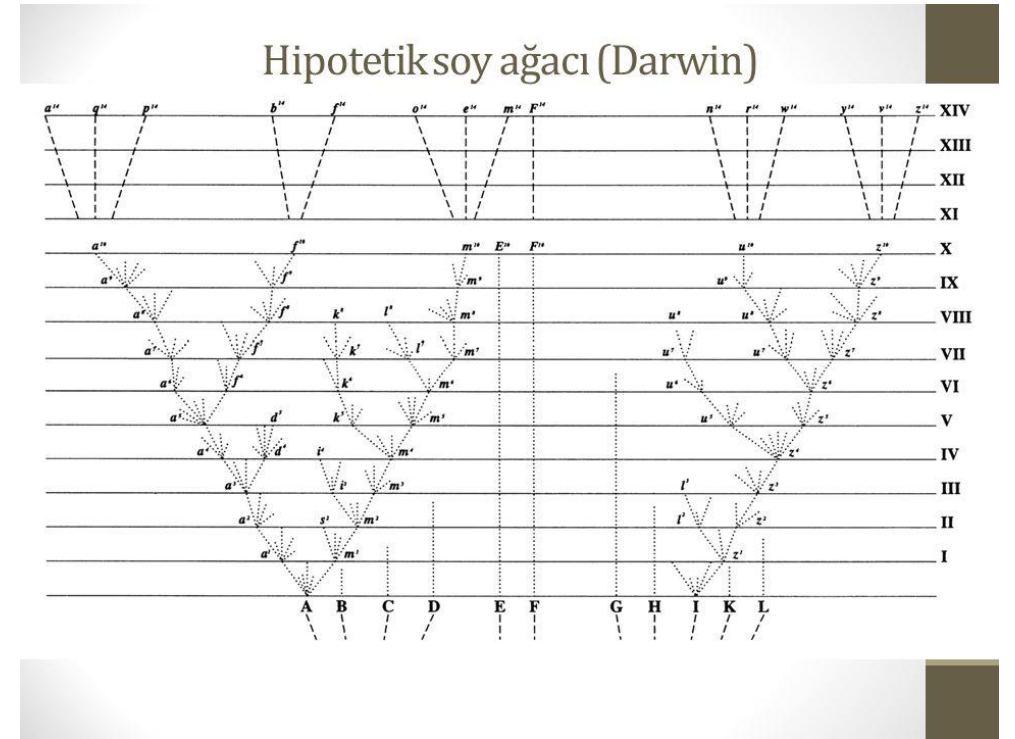


# Birbirine yakın tür

- ❖ Darwin, ara sıra **atasal bir türün**, başlangıçta birbirine çok benzeyen, zamanla birbirinden farklılaşarak uzaklaşan **iki kardeş türe bölünebileceğini** önerdi.
- ❖ Bu türlerden her biri, sırasıyla, bölünüp, **birbirinden uzaklaşmış iki kardeş tür** oluşturabilirdi ve bu süreç, yaşamın çok uzun tarihi boyunca **defalarca yinelenebilirdi**.
- ❖ Böylece, Darwin "**birbirine yakın tür**" kavramına anlam vermişti
- ❖ Birbirine **uzaktan akraba olan türler** uzak bir geçmişte kalmış **ortak bir atadan** türerken, birbiriyle çok **yakın olan türler** oldukça **yeni ortak bir atadan** türemişlerdi.

# Hipotetik soy ağacı

- ❖ Darwin, tüm canlı türlerinin, çağlar boyunca **bu tür olayların sonsuz tekrarı** sonucunda belki de **tek bir ortak atadan**, tüm yaşamın **evrensel atasından** türediklerini ileri sürmeyi göze aldı.
- ❖ Yandaki ağaçta **yakın komşu sürgünler**, ortak atalarından, yalnız **yakın geçmişte türemiş türleri** temsil ederler.
- ❖ **Farklı dallar** üzerinde bulunan sürgünler ise **daha uzak ortak atalardan** türemiş türleri temsil ederler.



# Benzerlik ve ortak atadan gelme



# Ađaç oluřturma sistemi nasıl alıřır?

- ❖ Eđer Darwin'in, **türlerin giderek birbirlerinden daha çok ayrıldığı varsayımı doğruysa**, benzerlik ve farklılıkların düzeyini ölçerek farklı taksonları ortaya ıkaran **atallanmanın tarihini anlayabiliriz**.
- ❖ Evrimsel geçmiři anlamamıza yarayan bu yöntemin nasıl alıřtığını **basit bir örnekte inceleyelim**.

# Galapagos adalarındaki kaplumbağa çeşitleri

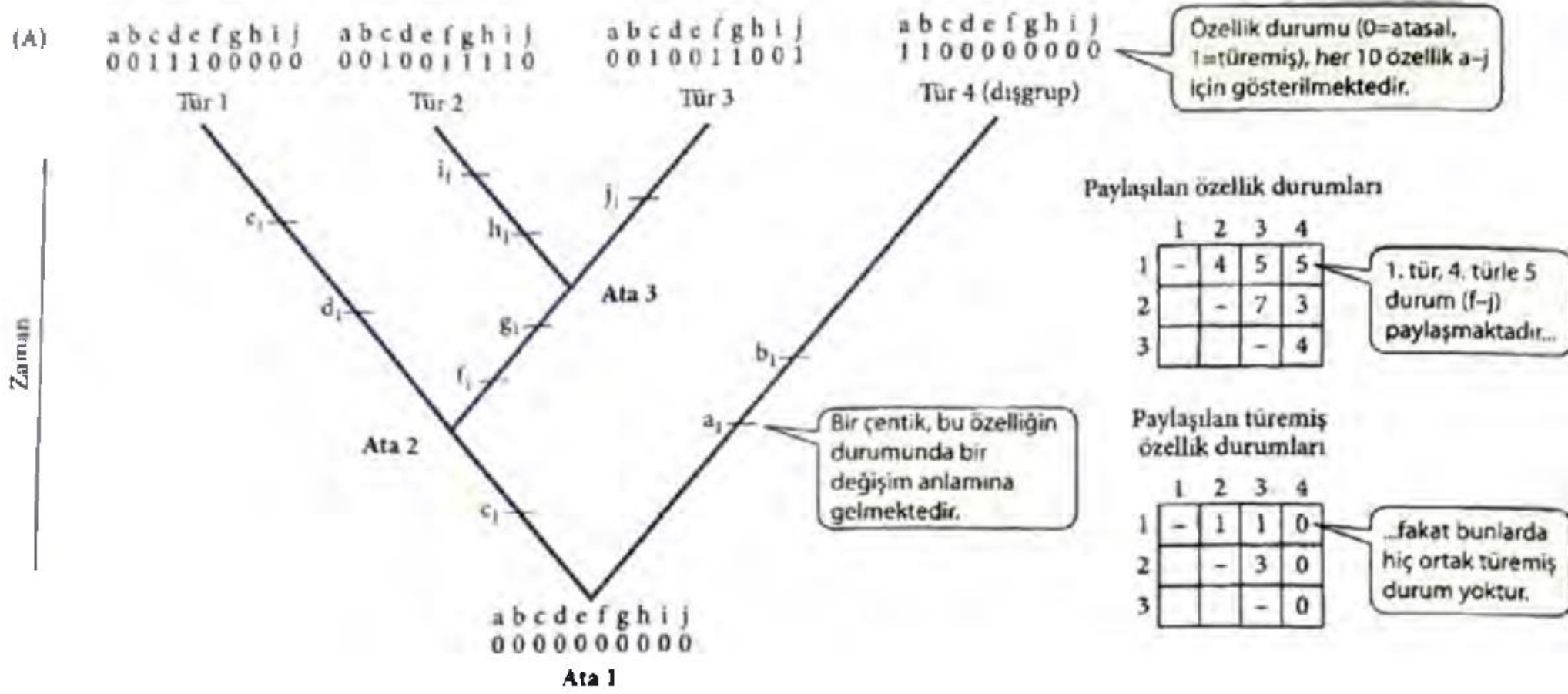
- ❖ Bu kaplumbağalar, **vücut iriliği**, **boyun uzunluğu** ve **kabuk şekli** gibi özelliklerde **farklılık gösterir**.
- ❖ Filogenetik analizlerde yalnızca **fenotipik özellikler** kullanılmaz, aynı zamanda **davranış**, **hücre yapısı**, **biyokimya** ve **kromozom** yapılarındaki farklılıkları da değerlendirilir.
- ❖ Günümüzde moleküler biyoloji **DNA dizilerini** de kullanır.



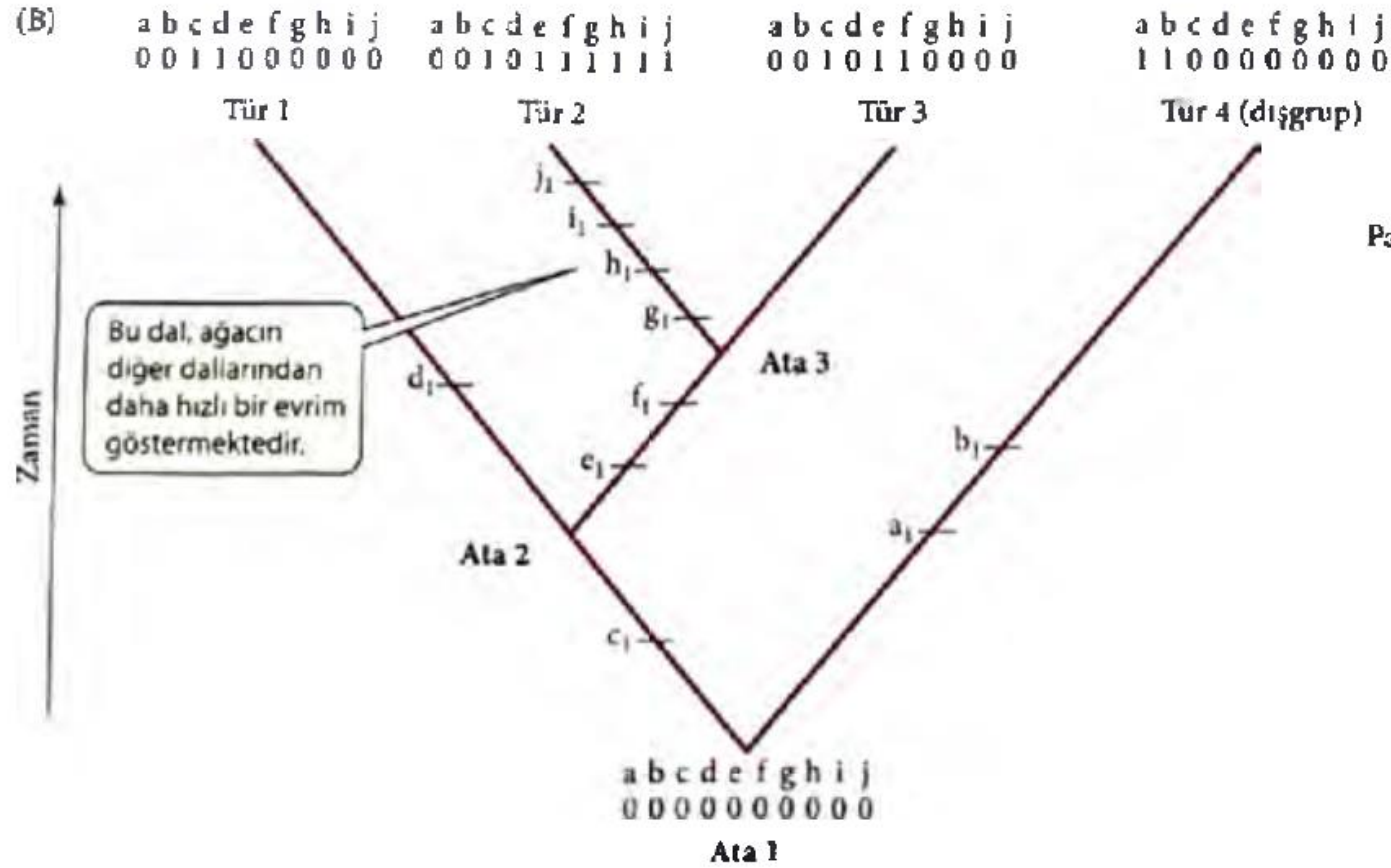
# Ağacı nasıl oluşturabiliriz?

- ❖ Varsayalım ki her özellik, **0** ve **1** olarak etiketlenen **iki duruma sahiptir** ve **0** grubun **ortak atasında** bulunan **atasal durumu** göstermektedir.
- ❖ Durum **1** ise **türemiş durumdur**, diğer bir deyişle, **atasal durumdan evrimleşen** bir durumdur.

# Örnek ağaç 1



# Örnek ağaç 2



Paylaşılan özellik durumları

	1	2	3	4
1	-	3	7	6
2		-	6	1
3			-	5

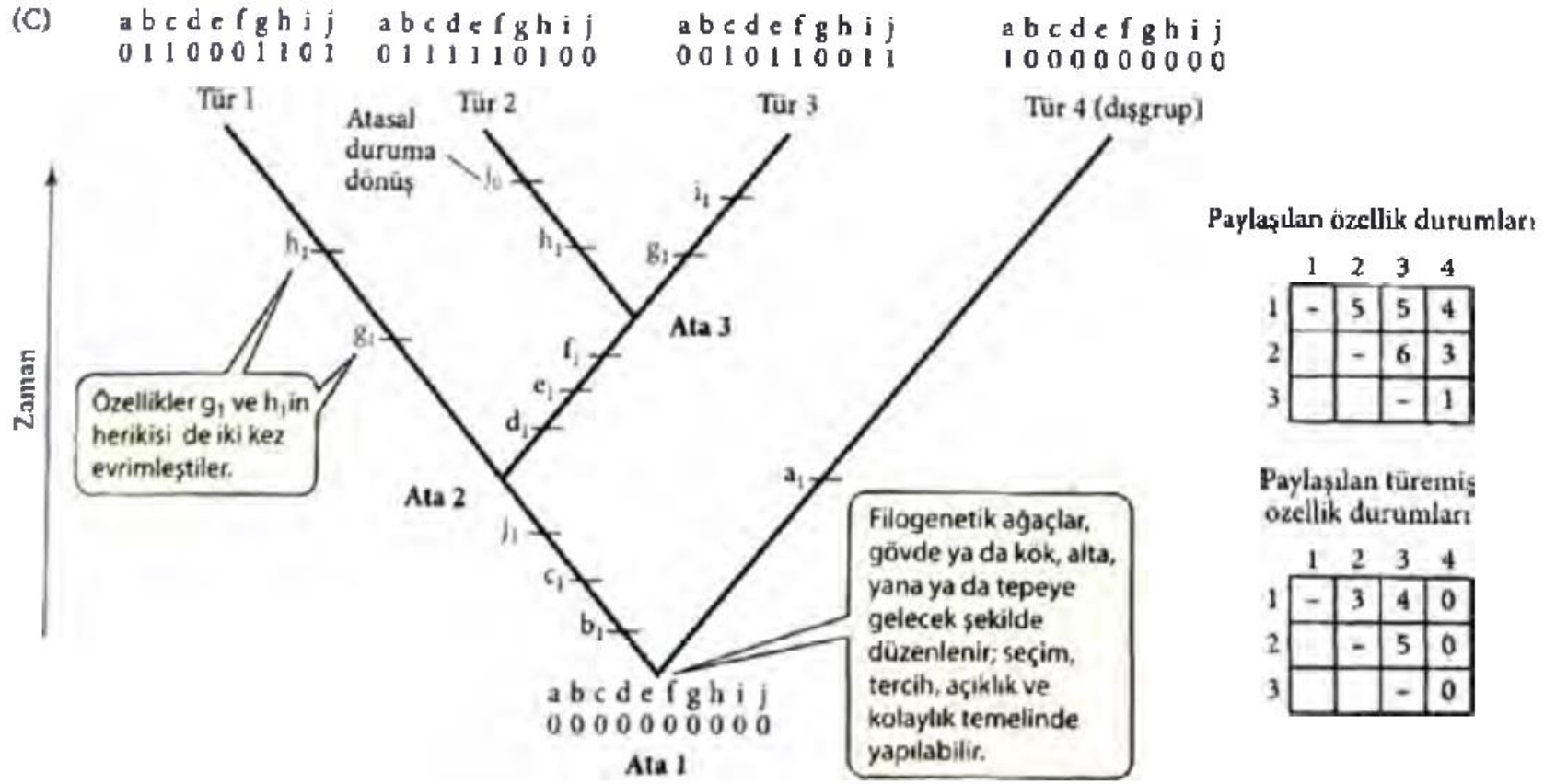
1. ve 3. tür en çok özellik durumunu paylaşıyor...

Paylaşılan türemiş özellik durumları

	1	2	3	4
1	-	1	1	0
2		-	3	0
3			-	0

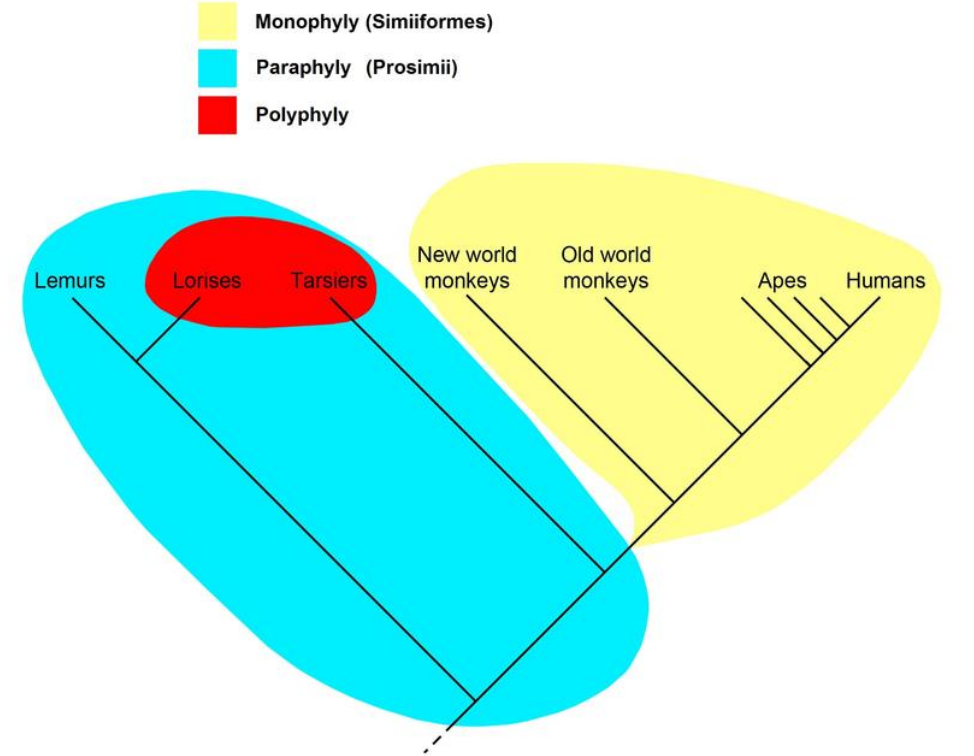
...fakat 2. ve 3. türler en çok türemiş özellik durumunu paylaşmakta ve dolayısıyla en yakın olan türlerdir.

# Örnek ağaç 3



# Monofiletik nedir?

❖ **Ortak bir atadan** oluşmuş olan türler kümesi **monofiletik bir grup** olarak adlandırılır.





# Bir filogenetik analiz örneği

❖ Geleneksel sınıflandırmalarda, primat üstfamilyası **Hominoidea**, üç familyadan oluşur:

- ❖ Uzun kollu maymunlar (Hylobatidae)
- ❖ İnsan ailesi (Hominidae), ve
- ❖ Gerçek maymunlar (Pongidae)

(A) Gibbon



(B) Orangutan



(C) Goril



(D) Şempanze



**Şekil 2.8** Primat üst ailesi Hominoidea'nin üyeleri. (A) Beyaz-elli asya maymunu (jibon), Hylobatidae ailesi. (B) Orangutan, *Pongo pygmeus*. (C) Ova gorili, *Gorilla gorilla*. (D) Şempanze, *Pan troglodytes*. Diğer iki Homonoid türü, *Pan paniscus* (bonobo) ve *Homo sapiens* (insan) burada görülüyor. (Photos: A © Steve Bloom / Alamy Images; B © Shaun Cunningham / Alamy Images; C, D © Gerry Ellis / Digital Vision.)



# Bir filogenetik analiz örneği

- ❖ Gerçek maymunlar,
  - ❖ Güney Asya'da bulunan **orangutan** (*Pongo pygmeus*),
  - ❖ Afrika'da bulunan **goril** (*Gorilla gorilla*),
  - ❖ Afrika'da bulunan **iki şempanze türünden** (*Pan*) oluşur.

(A) Gibbon



(B) Orangutan



(C) Goril



(D) Şempanze



**Şekil 2.8** Primat üst ailesi Hominoidea'nin üyeleri. (A) Beyaz-elli asya maymunu (jibon), Hylobatidae ailesi. (B) Orangutan, *Pongo pygmeus*. (C) Ova gorili, *Gorilla gorilla*. (D) Şempanze, *Pan troglodytes*. Diğer iki Homonoid türü, *Pan paniscus* (bonobo) ve *Homo sapiens* (insan) burada görülüyor. (Photos: A © Steve Bloom / Alamy Images; B © Shaun Cunningham / Alamy Images; C, D © Gerry Ellis / Digital Vision.)

# Bir filogenetik analiz örneği

- ❖ Anotomik kanıtlardan, uzun süredir **Hominoidea**'nin **monofiletik bir grup** olduğu kabul edilmişti.
- ❖ Fiziksel olarak, **Pongo**, **Pan** ve **Gorilla**, Homo'dan daha çok **birbirlerine benzer** görünümündedir.
- ❖ Bu nedenle, geleneksel görüş, **Pongidae'nin monofiletik** olduğu ve ilk olarak **Homo'nun çatallanarak ayrıldığı** şeklindedir.

(A) Gibbon



(B) Orangutan



(C) Goril



(D) Şempanze



**Şekil 2.8** Primat üst ailesi Hominoidea'nin üyeleri. (A) Beyaz-elli asya maymunu (jibon), Hylobatidae ailesi. (B) Orangutan, *Pongo pygmaeus*. (C) Ova gorili, *Gorilla gorilla*. (D) Şempanze, *Pan troglodytes*. Diğer iki Homonoid türü, *Pan paniscus* (bonobo) ve *Homo sapiens* (insan) burada görülüyor. (Photos: A © Steve Bloom / Alamy Images; B © Shaun Cunningham / Alamy Images; C, D © Gerry Ellis / Digital Vision.)

# Peki moleküler veriler ne diyor?

- ❖ Moleküler veriler, **insan** ve **şempanzenin** birbiriyle **en yakın ilişkisi** bulunan türler olduğunu kesinlikle göstermiştir.
- ❖ **Homo** ve **Pan** arasında, bazı **globin genlerinin diziliminin % 98'e varan benzerlikler** taşıdığı tespit edilmiştir.
- ❖ Bu iki tür arasında, **14 ilave paylaşılan türemiş özellik** daha, **şempanze** ve **insanı monofiletik gruplar** olarak birleştirir.

**TABLO 2.1** Orangutan (*Pongo*), gorilla (*Gorilla*), şempanze (*Pan*) ve insanın (*Homo*)  $\psi\eta$ -globin sözdegeni nükleotit dizileri arasındaki farklılaşma'

	<i>Gorilla</i>	<i>Pan</i>	<i>Homo</i>
<i>Pongo</i>	3.39	3.42	3.30
<i>Gorilla</i>		1.82	1.69
<i>Pan</i>			1.56
<i>Homo</i>			0.38

Kaynakça: Veriler Bailey vd. (1991) dan alınmıştır.

\*İki insan dizisi arasındaki farklılaşma yüzdesi tablonun sağ alt köşesinde verilmiştir. *Homo* ve diğer türler arasındaki farklılaşmalar, bu iki dizinin ortalaması kullanılarak hesaplanmıştır. Değerlerde çoklu nükleotit yer değişimi için düzeltme yapılmıştır.





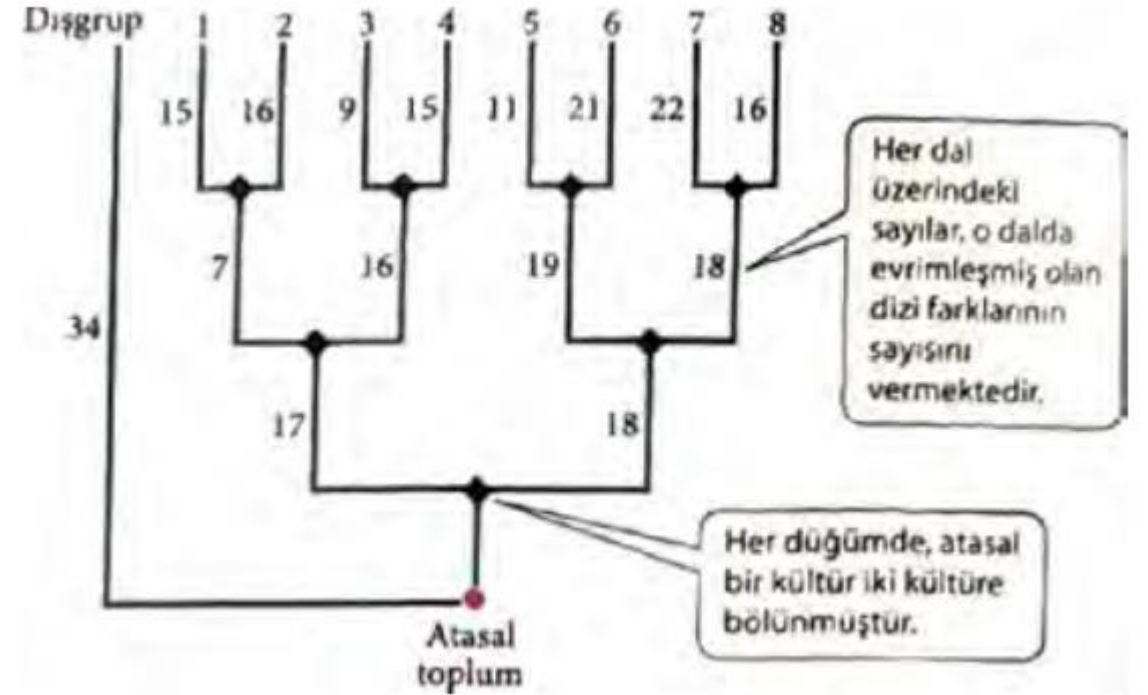
# Filogenetik hipotezlerin değerlendirilmesi

# Filogenetik hipotezleri nasıl doğrularız?

- ❖ Filogenetik çıkarımlarımızın **geçerliliğine nasıl karar vereceğiz?**
- ❖ Belirli bir veri kümesinden elde ettiğimiz soy ağacı kestirimi, **geçici olarak kabul edilen filogenetik bir hipotezdir** (herhangi bir bilimsel söylemde olduğu gibi).
- ❖ Ek veriler, **hipotezden vazgeçmemize** ya da **onu değiştirmemize** yol açabilir ya da hipoteze **ek destek** sağlayabilir.
- ❖ Filogenetik bir hipotezi doğrulamanın **başlıca yolu**, onun **bağımsız veriler ile uyum** içinde olup olmadığını görmektir.
- ❖ Örneğin, **DNA dizilerine** dayanan omurgalı taksonları arasındaki filogenetik ilişkiler, birkaç istisna dışında, **morfolojik özelliklerden elde edilenlerle aynıdır**.

# T17 soyhatları ile yapılan denemeler

- ❖ Araştırmacılar, **T17 bakteriyofajının** soy hatlarını ardı ardına bölerek, yaklaşık **300 kuşak boyunca** bunlarda **DNA dizisi farklılıklarının** birikmesine neden olan **mutasyon oluşturuvcu bir kimyasala maruz** bıraktı.
- ❖ Sonra araştırmacılar, oluşan **sekiz soyda dizi farklılıklarını** saydılar.
- ❖ Bu kadar toplum için, her bir soy hattının ikiye ayrıldığı **135.135 olası çatallanan ağaç** vardır.
- ❖ Fakat araştırmacıların kullandığı filogenetik analizler, tek **gerçek ağacı doğru şekilde bulmuştur.**



# Moleküler saat



# Moleküler saat nedir?

- ❖ Filogenetik çalışmaların geçmişinde, **ilk zamanlar**, veriler, **DNA dizilerinin** gerçekten de **sabit bir hızla evrimleşebildiği** izlenimini vermişti.
- ❖ Bu kavram, **moleküler saat** olarak adlandırılır.
- ❖ Moleküler saat, **filogenetik değişimleri öngörmeye** yardımcı olabilir.
- ❖ Eğer moleküler saatin **ne kadar hızlı "tıkladığını" belirleyebilirsek**, bu durum, farklı taksonlar ayrıldıktan **şimdiye kadar geçen mutlak zamanı tahmin edebilmemizi** olanaklı kılar.

# Gen ağaçları

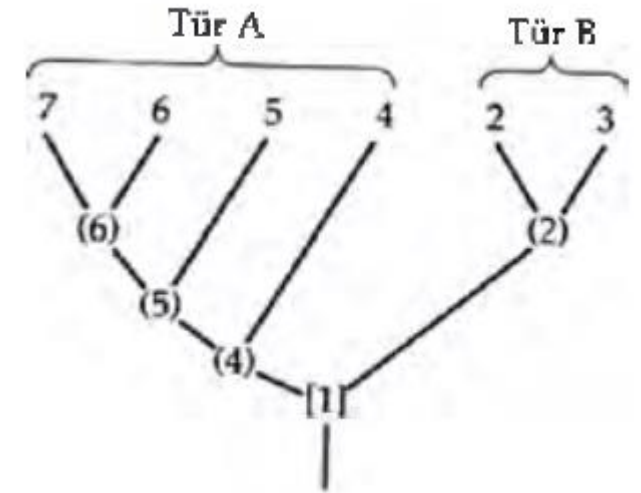
# Gen ağacı nasıl oluşturulur?

- ❖ Şimdiye kadar, türlerin **filogenetik ağaçlarını çıkarsamakla ilgilendik.**
- ❖ Aynı ilkeleri kullanarak, bir **genin DNA dizi çeşitleri** (haplotipler) arasındaki **tarihsel ilişkileri çıkarsayabiliriz.**
- ❖ Bir DNA dizisi (haplotip), **mutasyon yoluyla bir diğerine dönüşebilir.**
- ❖ En basit mutasyon çeşidi, dizinin tek bir yerinde **bir nükleotid baz çiftinin, bir diğerinin yerini almasıdır.**

Haplotip	Konumlar														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
3	A	T	A	C	T	A	T	A	T	G	T	T	G	C	C
2	A	T	A	C	T	A	C	A	T	G	T	T	G	C	C
1	A	T	A	C	T	A	C	A	C	G	T	T	G	C	C
4	A	T	A	C	T	A	C	A	C	G	T	T	A	C	C
5	A	T	A	C	T	A	C	A	C	G	T	T	A	C	T
6	A	T	A	C	T	G	C	A	C	G	T	T	A	C	T
7	A	T	G	C	T	G	C	A	C	G	T	T	A	C	T

# Bu verilerle ağaç oluşturmak

- ❖ Bu noktada, **evrimin hangi yönde** olduğunu bilmediğimiz için **ağacımız köksüzdür**.
- ❖ Muhtemel **DNA dizi benzerliklerini** göz önünde bulundurarak, **yandaki gibi bir ağaç** oluşturmak mümkündür.
- ❖ Günümüzde DNA dizi benzerliklerinden yola çıkarak filogenetik ağaç oluşturan bilgisayar yazılımları (örn; **CLUSTALW**) ya da bazı **web tabanlı uygulamalar** (örn; **NGPhylogeny**) bulunmaktadır.



# Filogenetik analizlerde sorunlar

# Özellikleri ölçmek zordur

- ❖ **Anatomik özellikler**, sistematikte önemlidir ve tipik olarak **yok olmuş olan canlılar** için elde olan **tek veri** çeşididir.
- ❖ Canlıların **aynı özellik durumuna sahip olup olmadıklarına** karar vermek çoğu kez **anatomik ayrıntılar** hakkında geniş **bilgi sahibi olmayı** gerektirir ve hiç de **kolay bir iş değildir**.

# Homoplazi çok yaygındır

- ❖ Homoplazi, **ortak bir atadan gelmiyor olmasına rağmen** birden fazla türde **aynı özelliklerin** benzer (ve hatta çok benzer) şekilde **evrimleşmesidir**.
- ❖ Bu durumda, bir veri kümesi, **bir kaç filogenetik ağaç verebilir**.

# Evrım süreci çoęu zaman önceki evrimsel tarihe ait izleri siler

- ❖ Eęer alıřılan taksonlar **ok eskiden ayrıldıysa** ya da **ok hızlı bir evrim geçirdiyse**, özelliklerinin çoęu o kadar farklı olacaktır ki **benzer özelliklerin ayırt edilmesi zor** olabilir.
- ❖ Örneęin, **diřler** bir ok **memeli arasındaki ilişkileri belirlemede önemli** özellikler saęlar, fakat **diřsiz karıncayiyenler** arasındaki ilişkileri deęerlendirmede kullanılamaz.



# Bazı soy hatları o kadar abuk ayrılırlar ki!

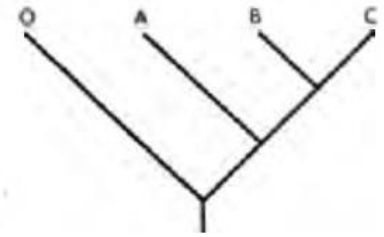
- ❖ Bazı soy hatları o kadar **abuk ayrılırlar** ki, her grubun atasının **ayırt edici zelliklere** sahip olması iin ok **az fırsat vardır**.
- ❖ rneğın, **bir ok tücü kuş ailesi, kısa bir süre iinde birbirinden ayrılmış** görüldüğü iin aralarındaki **ilişkiler** pek **iyi anlaşılamamaktadır**.

# Melezlenme

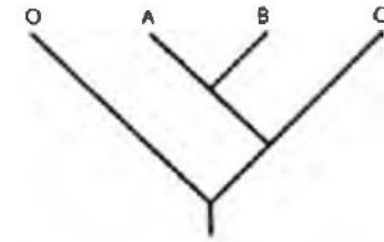
# Melezlenme filogenetik ağacı etkiler

- ❖ **Bir çok bitki** türü ve **az sayıda hayvan** türü, iki atasal türün melezlenmesiyle ortaya çıkmıştır.
- ❖ Böyle durumlarda, filogeninin bir kısmı, **dallanma yerine bir ağ şeklinde** olacaktır ve melez toplumdaki bazı genler, **iki ayrı türe ait soy hattından birine yakın akraba** olacaktır.

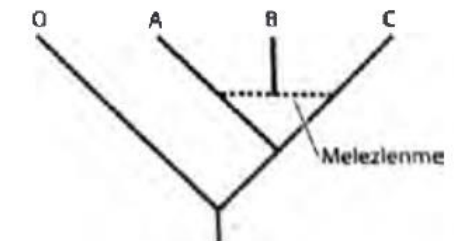
(A) 1. genin dizisine dayanarak elde edilen soyağacı



(B) 2. genin dizisine dayanarak elde edilen soyağacı



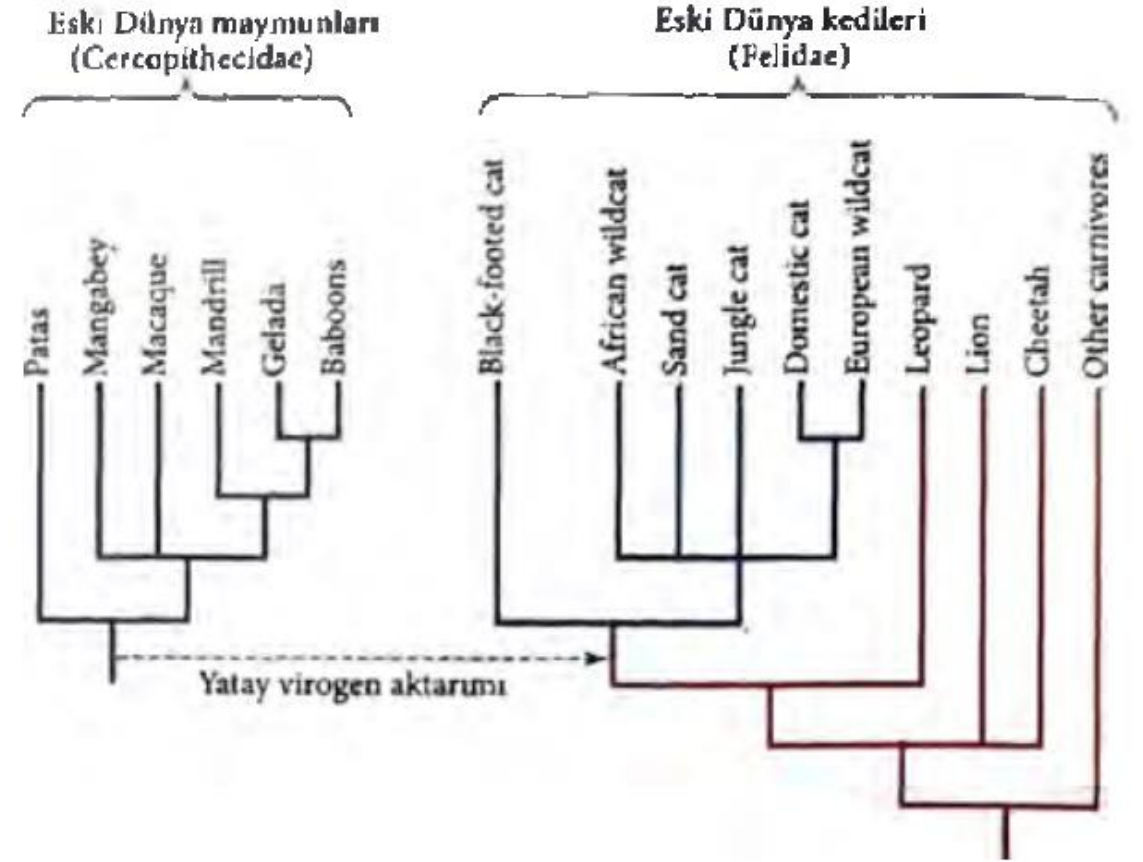
(C) Ağsı soyağacı



# Yatay gen aktarımı

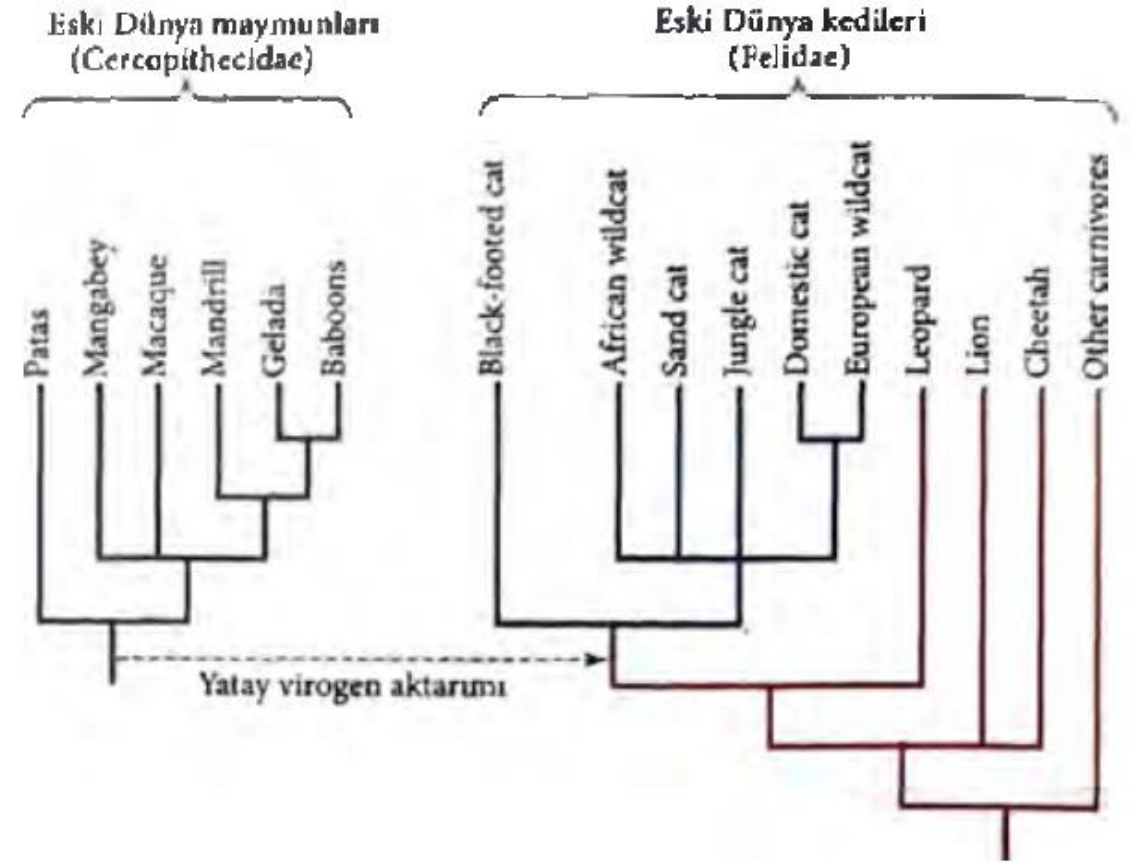
# Yatay gen aktarımı filogenetik analizleri zorlaştırabilir

- ❖ Melezlenmenin tersine, yatay (yan) gen aktarımı, genellikle **bir türün bir kaç genini başka bir türün genomuna** eklemesidir.
- ❖ Örneğin, belirli bir "**virogen**", yalnız **eski dünya maymunlarında** ve çok **yakın akraba kedi türlerinde** bulunmuştur.
- ❖ Bu gen, **bu kedilerin**, diğer kedilere göre, **maymunlara daha yakın olduğu** anlamına gelir.



# Yatay gen aktarımı filogenetik analizleri zorlaştırabilir

- ❖ Bu da diğer genlerle hesaplanan **filogeniyle açıkça uyumsuzluk** gösterir.
- ❖ Bu gen, **maymunlardan kedilere bir virüs tarafından** taşınmış olabilir.
- ❖ Yatay gen aktarımının, çeşitli bakterilere, **antibiyotik direnci, konak canlılara saldırma** ve **hastalığa neden olma** yeteneği, **sıcak su kaynakları** gibi aşın çevre koşullarına **uyum** gibi özellikler sağladığını göstermiştir.



Sabrınız için teŝekkür ederim...

Prof. Dr. Bektaŝ TEPE

(Kaynak: Evrim - Douglas J. Futuyama)